



Pressemitteilung

10.02.2011

Xenacoelomorpha – ein neuer Stamm im Tierreich

Wissenschaftler ordnen Stammbaum der Tiere neu

Sie sind winzig, der Mund dient gleichzeitig als After und anstelle eines Gehirns haben sie ein diffuses Nervensystem. Trotzdem sind Xenoturbella und die so genannten "acoelomaten" Würmer etwas näher mit dem Menschen verwandt als beispielsweise der bekannte Regenwurm. Ein internationales Wissenschaftler-Team unter Mitarbeit von Albert Poustka vom Max Planck Institut für molekulare Genetik in Berlin hat nämlich herausgefunden, dass die beiden Gruppen einfacher mariner Würmer enger mit komplexen Lebewesen wie Menschen und Seeigel verwandt sind als bisher angenommen. Sie ordnen damit die Abstammungsgeschichte der Tiere grundlegend neu. Bislang galten die acoelomaten Würmer als die entscheidende evolutionäre Verbindung zwischen einfachen Tieren wie Schwämmen und Quallen und komplexeren Organismen. Nun stellt sich heraus, dass diese Tiere nicht immer so einfach aufgebaut waren wie heute. (Philippe, H. et al. Nature 470, 255–258 (2011), doi:10.1038/nature09676)



Würmer aus der Gattung *Xenoturbella* gehören einem weiteren Stamm der Neumünder (*Deuterostomia*) an. © Universität Tsukuba, Japan/Hiroaki Nakano

Die Gattung *Xenoturbella* lebt vor den Küsten Skandinaviens, Schottlands und Islands. Sie hat mit den acoelomaten Würmern einen einfachen Körperbau gemeinsam: Die maximal wenige Millimeter großen Würmer besitzen keinen durchgängigen Darm, After, Kiemenbögen und keine Körperhöhle (gr. Coelom = Höhle). Viele Mitglieder beider Gruppen leben am Meeresgrund und ernähren sich dort von Arten leben auch parasitisch, wie zum Beispiel im Darm von Seegurken.

Das Tierreich wird in verschiedene evolutionäre Linien untergliedert. Dazu zählen unter anderem die so genannten „Urmünder“

(Protostomia) und die „Neumünder“ (Deuterostomia). Bei den Urmündern wird der Urmund zu Beginn der Embryonalentwicklung auch tatsächlich der Mund, bei den Neumündern wird er zum After, der Mund entwickelt sich später. Bislang waren drei Stämme der Deuterostomia bekannt: Chorda-Tiere (z.B. Wirbeltiere), Stachelhäuter (Seeigel, Seesterne, Seegurken) sowie die Eichelwürmer. „Unsere Ergebnisse zeigen, dass *Xenoturbella* und acoelomate Würmer zusammen den vierten Stamm bilden. Wir nennen ihn die „Xenacoelomorpha“, erklärt Albert Poustka vom Berliner Max-Planck-Institut.

Den Wissenschaftlern zufolge haben *Xenoturbella* und acoelomate Würmer einen gemeinsamen Vorfahren, von dem auch die sehr komplexen Gruppen der Deuterostomier abstammen. „Xenacoelomorphen Würmer sind also ursprünglich nicht wie bisher



angenommen einfach aufgebaut, sondern haben im Laufe der Evolution die für viele Deuterostomier charakteristischen Merkmale verloren. Die Würmer haben ihren Bauplan in Wirklichkeit vereinfacht, weil das offenbar genauso oder sogar vorteilhafter war als ein komplizierter Körperaufbau“, sagt Poustka.



Der acoelomate Wurm *Hofstenia miamia* gehört ebenfalls zu den "Neumündern".

© Universität Uppsala/Andreas Wallberg

Die Wissenschaftler untersuchten mit Hilfe äußerst rechenintensiver mathematischer Modelle neue „mini“-Gene (microRNAs) und Aminosäuren der komplett sequenzierten mitochondrialen Genome aus Acoelomaten und *Xenoturbella* sowie einen großen Satz von mehreren hundert Genen. Die Analyse der microRNAs von *Xenoturbella* und dem acoelomaten Wurm *Hofstenia miamia* zeigte, dass der zuvor analysierte acoelomate Wurm *Symsagittifera roscoffensis* viele dieser

„mini“-Gene verloren hatte. Das Gen-Repertoire der untersuchten Tiere deutet vielmehr auf eine Verwandtschaft dieser Tiere mit den Deuterostomia hin. So besitzen sie beispielsweise eine microRNA, die bisher nur von Stachelhäutern und Eichelwürmern bekannt ist. Außerdem haben alle bislang analysierten Tiere des neuen Xenacoelomorpha-Stamms das Gen RSB66, das bisher nur in Deuterostomieren nachgewiesen werden konnte.

Die komplexen Tiere der Protostomier und Deuterostomier stammen also nicht beide wie bislang angenommen von den acoelomaten Würmern ab. Frühere Untersuchungen unterlagen offenbar einem systematischen Fehler, den Wissenschaftler als „Long branch artifact“ bezeichnen. Dieser Fehler tritt oft auf, wenn das Erbgut von Organismen verglichen wird, die sich lange unabhängig voneinander entwickelt haben. Auch wenn sich die DNA-Sequenzen mancher Organismen schneller als der Durchschnitt veränderten, kann dieser Effekt auftreten. „Genau dies war bei den acoelomaten Würmern der Fall“, so Poustka. Als nächstes wollen die Forscher das gesamte Erbgut verschiedener Arten der Xenacoelomorpha entschlüsseln, um die Evolution der Deuterostomier noch besser zu verstehen.

[HR]

Originalveröffentlichung:

Philippe H, Brinkmann H, Copley R R, Moroz L L, Nakano H, Poustka A J, Wallberg A, Peterson K J, Telford M J. *Acoelomorph flatworms are deuterostomes related to Xenoturbella*. Nature 470, 255–258 (2011), doi:10.1038/nature09676

Kontakt:

Dr. Albert Poustka

Max-Planck-Institut für molekulare Genetik, Berlin

Tel.: 030 8413-1235

Email: poustka@molgen.mpg.de